

Analyse de la diversité microbienne « bruit de fond » de l'air des espaces clos par une approche métagénomique

Carole Gaüzere

Fin de thèse prévue en janvier 2012

Contexte et objectifs

État d'avancement

L'air intérieur : enjeux

Description de la diversité microbienne « bruit de fond » de l'air intérieur

- Développement d'une méthodologie de collecte
- Quantification de la microflore aéroportée
- Dynamique spatiale et temporelle de la diversité microbienne
- Création d'une base de données moléculaires
 - Analyse de la diversité par une approche métagénomique
 - Analyse du métagénome

❖ Synthèse bibliographique sur les bioaérosols de l'air intérieur et sur les méthodes de collecte et d'étude

❖ Protocole général :

❖ Premiers essais « *in situ* » et comparaison des méthodes de collecte :

Etude des aérosols microbiens dans les sites patrimoniaux ainsi que dans un bureau par une approche moléculaire. Pour cela, collecte des microorganismes aéroportés dans deux musées et une bibliothèque, à l'aide de différents systèmes associés à des analyses moléculaires.

Principaux résultats

❖ Analyses PCRq (*Polymerase Chain Reaction quantitative*) : validation sur la base quantitative

Figure 1 : Concentration en cellules fongiques obtenus par PCR quantitative au moyen de différents outils de collecte dans un bureau paysager.

Figure 2 : Concentration en cellules fongiques obtenus par PCR quantitative au moyen de différents outils de collecte dans une bibliothèque privée.

- Non détecté
- Trois protocoles de collecte applicables aux outils moléculaires.
- Disparités en fonction de la méthode de collecte → différences dans la gamme de particules collectées (fig. 1).
- Disparités en fonction du lieu avec une inversion d'efficacité entre les techniques (fig. 2).

Figure 3 : concentration en cellules fongiques obtenus par PCR quantitative au moyen du cyclone dans deux musées : Le Louvre et le Musée Art et Décoration de Paris.

- Concentrations en cellules fongiques comprises entre $2,89 \cdot 10^3$ et $8,57 \cdot 10^4$ → Similaires à celles retrouvées dans le bureau paysager.
- Disparités au sein d'une même salle (Salle des Etats : dispersion de 130%).
- Disparités entre salles au sein d'un même étage (dispersion de 77%).

Suites

❖ Analyse SSCP (*Single Strand Conformation Polymorphism*) : validation sur la base qualitative

Figure 4 : Profil SSCP d'une espèce bactérienne

Figure 5 : Profils SSCP de trois communautés bactériennes

❖ Validation « *in situ* » du protocole d'étude

➢ Comparaison visuelle de profils et analyses statistiques (ACP).

Choix de la méthode de collecte la plus adaptée aux besoins de l'étude.

Remerciements

Avec le soutien de J-J. Godon, S. Moularat, F. Boust et G. Oriat

Contact(s)

carole.gauzere@cstb.fr, marina.moletta@cstb.fr